

Universidade Federal de Santa Catarina
Centro de Ciências Agrárias – CCA
Departamento de Aquicultura

Componentes de variância para larvas e juvenis de ostras *Crassostrea gigas*

Aline Thomasi da Silva

Florianópolis, SC

2012

Universidade Federal de Santa Catarina
Centro de Ciências Agrárias – CCA
Departamento de Aquicultura

Relatório de Estágio Supervisionado II

Laboratório de Moluscos Marinhos - LMM

Aluno: Aline Thomasi da Silva

Orientador e Supervisor: Dr. Cláudio
Manoel Rodrigues de Melo

Florianópolis, SC
2012

Thomasi, Aline

Componentes de variância para larvas e juvenis de ostras *Crassostrea gigas*

Relatório de Estágio Supervisionado II

Curso de engenharia de aquicultura
Centro de ciências agrárias
Universidade Federal de Santa Catarina

Palavras- Chave: *Crassostrea gigas*, altura, herdabilidade, juvenis

*Dedico esta conquista aos meus
pais, Magda Mussnich Thomasi
e Luiz Carlos Souza da Silva.*

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Santa Catarina, pelo ensino de boa qualidade.

Ao professor Cláudio Manoel Rodrigues de Melo, pela orientação e confiança.

Ao grupo de melhoramento genético do Laboratório de Moluscos Marinhos, Alexandra Inês dos Santos, Khauê Vieira da Silva, Patrick Rafael Dybas, Dário Areias, Angela e Jefferson Legat, por toda a contribuição profissional e aprendizado, pelos momentos de estresse e de boas risadas, e pela amizade estabelecida.

À todos os funcionários (terceirizados, técnicos, professores e alunos) do Laboratório de Moluscos Marinhos.

Aos colegas de curso, que passaram ao meu lado momentos inesquecíveis durante a graduação, em especial à Mariana Roza de Abreu pela parceria nos trabalhos, pelo companheirismo, pelo apoio, e é claro, pela grande amizade.

Às melhores amigas do mundo, Bárbara Almeida, Mayra de Matos, Thayana Soares, Naiana Veiga, Gisele Parente, por tornarem meus dias mais felizes.

À todos os amigos e ao melhor deles, meu namorado, Robson Carvalho Deberaldini, por todo companheirismo, cuidado, amor e carinho.

RESUMO

COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA LARVAS E JUVENIS DE OSTRAS *Crassostrea gigas*

O objetivo do presente estudo foi obter estimativas de componentes de variância e de herdabilidade para a característica de altura em *Crassostrea gigas* em fase inicial. Obteve-se através de desovas por “strip”, inicialmente, um total de 33 famílias de irmãos completos. Cada uma delas teve em média, 30 animais medidos aleatoriamente de cada coleta: Ao 9°, 21°, 41° e 61° dias de idade. Foram medidos, entre larvas e sementes, um total de 2.585 animais. Análises prévias foram feitas utilizando o pacote computacional SAS. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas por meio de procedimentos Bayesianos via amostrador de Gibbs utilizando-se o programa MTGSAM. Os conjuntos de dados foram analisados separadamente. Os valores de estimativas de variância genética foram 504,63; 518,34; 2,76; e 19,09 e para herdabilidade foram 0,72; 0,05; 0,40 e 0,53, respectivamente, para os 9, 21, 41 e 61 dias.

Palavras-chave: *Crassostrea gigas*, altura, herdabilidade, juvenis.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Reprodutores numerados.	10
Figura 2 - Raspagem do corpo mole em balde de 4 litros.	11
Figura 3 - Peneiramento de gametas masculino.	11
Figura 4 - Vista superior de um tanque de larvicultura com filtro, mangueiras de aeração e alimentação.	13
Figura 5 - Microscópio Leica.	15
Figura 6 - Imagem microscópica de larvas já medidas, ao 9° dia	15
Figura 7 - Imagem microscópica de larvas já medidas, ao 21° dia.	16
Figura 8 - Sementes ao 41 ° dia.....	16
Figura 9 - Sementes ao 61° dia.....	16

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Média, desvio padrão, mínimo e máximo, do peso e altura dos reprodutores, e do número de gametas, larvas “D”, larvas ao 9º e 21º dias, e sementes.....	20
Tabela 2 – Número de famílias e de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo, da altura dos animais ao 9º, 21º, 41º e 61º dias.	20
Tabela 3 - Correlação entre o número de gametas, de larvas “D”, de larvas ao 9º e 21º dias, e número de sementes.....	21
Tabela 4 - Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância de efeito de ambiente comum materno (σ_c^2), variância residual (σ_e^2), herdabilidades (h^2) e efeitos de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para altura de larvas ao 9º e ao 21º dias.	22
Tabela 5 - Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância de efeito de ambiente comum materno (σ_c^2), variância residual (σ_e^2), herdabilidades (h^2) e efeitos de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para altura de sementes no 41º e 61º dias.	23

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	8
2. MATERIAL E MÉTODOS	10
2.1 Reprodutores e Desova	10
2.2 Larvicultura.....	12
2.3 Assentamento	13
2.4 Coleta de Dados	14
2.5 Análises de Dados	17
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
3.1 Estatística descritiva.....	20
3.2 Parâmetros genéticos	22
4. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	25
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	26

1. INTRODUÇÃO

Atualmente a produção aquícola marinha brasileira pode ser dividida basicamente em dois tipos: a carcinicultura e a malacocultura. Esta última, que possui a maior parte da produção oriunda do Estado de Santa Catarina, teve, em 2010, produção total de 15.636,2 t. Deste total, pouco mais de 12% é referente à produção de ostras (MPA, 2010).

Devido à sua rusticidade, rapidez de crescimento e valor comercial, a “ostra do Pacífico” ou “ostra japonesa”, *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1795) é a espécie mais cultivada no Brasil e no mundo. No entanto, acasalamentos indiscriminados podem levar ao aumento de consanguinidade, com efeitos danosos à produção. A aplicação de métodos de seleção bem estruturados deve abranger um número de famílias suficiente para manter baixo os níveis de endogamia, além de promover ganho em produção e reduzir o tempo de cultivo das ostras, à exemplo do que já é feito na pecuária e em lavouras.

Estudos em melhoramento na Aquicultura são recentes (BENTSEN, 2012; KITCHAROEN, 2012; JERRY, 2012). Como as demais espécies aquícolas em que esse tipo de trabalho é aplicado, a *C. gigas* possui tecnologia de reprodução e cultivo totalmente desenvolvida, fato imprescindível na implantação de um programa de melhoramento. Entretanto, no Brasil, não há esforços de pesquisas em genética quantitativa com moluscos.

Segundo BOUDRY *et al.* (2003), uma possibilidade para a progresso da produção de ostras seria identificar os melhores indivíduos em crescimento o mais cedo possível. Seleções antecipadas poderiam melhorar significativamente a eficiência e a velocidade de programas de melhoramento.

Na implantação de um programa de melhoramento genético, é de suma importância o conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica para as características de interesse desses animais, variabilidade esta que é resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e de ambiente. Estudos reportam que, em ostras, as características de crescimento possuem geralmente grande variação, mesmo entre indivíduos de mesma idade e em mesmas condições (GALTISOFF, 1964; HALEY & NEWKIRK 1977; ZOUROS *et al.* 1980). Como não se pode medir o valor genético diretamente, e sim o fenotípico, utiliza-se de técnicas de predição de

valores genéticos. Assim, na avaliação genética os valores fenotípicos devem ser corrigidos para os efeitos ambientais identificáveis (ex.: tanque, data de desova) e ponderados para a estrutura de (co)variâncias. Dentre os parâmetros de maior importância destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, correlações e herdabilidades (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A variância genética aditiva é a principal causa de semelhança entre parentes, e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta da população à seleção. Na prática, o parcelamento que interessa, é entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica total, sendo esta razão chamada de herdabilidade. A herdabilidade tem papel preditivo, uma vez que expressa a confiança do valor fenotípico como guia para o valor genético (FALCONER, 1987).

À nível mundial, já existem trabalhos com *C. gigas* (EVANS & LANGDON, 2006; WANG *et al.*, 2006; DÉGREMONT *et al.*, 2010). Contudo, é importante lembrar que os parâmetros genéticos encontrados são aplicáveis apenas na população e no ambiente em que eles foram obtidos. Além disso, os parâmetros podem mudar a todo o tempo, particularmente em populações relativamente pequenas sob seleção. Assim, torna-se indispensável para o estabelecimento de um programa de seleção, um delineamento experimental para o estudo prévio das características em questão, mesmo que sejam características já estudadas em outro momento e/ou em outras condições (SANTOS, 2009).

Por serem indispensáveis para se definir estratégias de seleção e existirem poucos estudos para estimá-los, o presente trabalho propõe-se a determinar estimativas de componentes de variância e de herdabilidade pelo método Bayesiano, utilizando amostrador de Gibbs para a característica de altura em *Crassostrea gigas* em fase inicial.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Reprodutores e Desova

O presente trabalho foi conduzido no Laboratório de Moluscos Marinhos da Universidade federal de Santa Catarina (LMM – UFSC), para onde animais adultos pertencentes ao próprio laboratório foram transferidos depois de retirados da praia do Sambaqui ($27^{\circ}29'18''\text{S}$ e $48^{\circ}32'12''\text{W}$), em Novembro de 2011, para serem utilizados como reprodutores (Figura 1). Nenhum método de maturação foi aplicado, já que no sul do Brasil, nesta época do ano, os animais mantidos em campo devem estar em bom estado de maturação (POLI, 2004).



Figura 1 - Reprodutores numerados.

O método de desova aplicado para assegurar a correta identificação de genealogia dos animais, foi o “strip”. Neste método, os animais são sacrificados para a extração dos gametas, por meio da raspagem do corpo mole, com auxílio de bisturi. As desovas foram realizadas em três dias consecutivos. Ao total, 112 ostras foram medidas, sacrificadas, e seus gametas avaliados para a determinação do sexo e do estado de gametogênese. A informação de quais machos e fêmeas encontravam em melhor condição de reprodução, possibilitou a escolha dos reprodutores e a programação dos acasalamentos. Estes, ocorreram em planejamento hierárquico de forma que cada macho foi acasalado com duas fêmeas.



Figura 2 - Raspagem do corpo mole em balde de 4 litros.

Durante o “strip” foram utilizados baldes de 4 litros (Figura 2) devidamente identificados, tanto para a raspagem do tecido gonádico, como para a hidratação e peneiramento dos gametas (Figura 3), e posterior fertilização. Da solução de gametas das fêmeas três amostras foram coletadas. Por meio de contagens, a quantidade total de ovócitos de cada fêmea foi estimada. Ainda nos baldes, foram adicionados e devidamente homogeneizados três doses de mesmo volume de gametas masculino, proveniente do macho correspondente de cada acasalamento, para que houvesse a fertilização. Este volume foi de 20 ml ou 30 ml, dependendo da concentração aparente dos gametas de cada macho.



Figura 3 - Peneiramento de gametas masculino.

Todo o procedimento foi realizado de modo a prevenir qualquer tipo mistura de gametas e/ou fertilizações indesejadas. Posteriormente, cada solução foi mantida em baldes individuais de 20 litros, com aeração constante, cuja densidade foi padronizada em 150 ovócitos/ml, considerando a contagem de ovócitos feita anteriormente à fertilização.

Após 24 horas do término das fertilizações, as larvas “D” foram amostradas, quantificadas, e posteriormente transferidas para os tanques definitivos de larvicultura com a densidade reajustada em 150 larvas/ml.

No total, foram utilizados 18 machos e 37 fêmeas para a desova, no entanto, nem todos os pares acasalados tiveram sucesso reprodutivo, resultando em 30 famílias de meio-irmãos e 33 famílias de irmãos completos.

2.2 Larvicultura

Cada família foi mantida separadamente, em tanques cilíndrico cônicos com capacidade de 5 litros, em um sistema contínuo (Figura 4). Neste sistema cada tanque recebeu além de aeração constante, um fluxo de 200 ml/minuto de água com alimento (microalga).

O sistema de abastecimento de alimento contou com dois reservatórios comunicáveis de 5.000 litros cada, cuja limpeza e renovação total de água foram realizadas a cada 48 horas. A salinidade da água nestes compartimentos foi mantida em 27‰. A alimentação foi diária, e consistiu em uma combinação das microalgas *Isocrysis galbana* e/ou *Pavlova* sp. e *Chaetoceros muelleri*, em concentrações variando de 2×10^4 a 8×10^4 células/mL, conforme o desenvolvimento das larvas.



Figura 4 - Vista superior de um tanque de larvicultura com filtro, mangueiras de aeração e alimentação.

Em cada tanque de larvicultura, a fim de impedir a fuga das larvas, havia um filtro com abertura de malha inicial de 35 μm , passando por 50 μm chegando, por fim, a 70 μm . A troca destes filtros foi feita de acordo com o crescimento das larvas, observado durante os manejos. O manejo consistiu na limpeza dos tanques com solução de limão, limpeza dos filtros e no peneiramento das larvas. O peneiramento teve como principais funções a remoção de impurezas (animais mortos e matéria orgânica) e o acompanhamento do desenvolvimento larval. Em cada manejo se fez uso de jogos de peneiras com diferentes aberturas de malha (35, 50, 70, 100, 145, 210, 230, 240 e 500 μm), em diferentes combinações. Ao final dos 21 dias de larvicultura, as larvas retidas na peneira com malha de 230 μm , foram transferidas para as estruturas de assentamento. Entretanto, durante a transferência, foi observada ausência de larvas em seis famílias, as quais foram desconsideradas a neste momento.

Dados de temperatura da água e do ambiente e de salinidade foram controlados diariamente.

2.3 Assentamento

A fase de assentamento (período compreendido entre a metamorfose das larvas até as sementes atingirem o tamanho necessário para completarem o crescimento a campo) ocorreu em um sistema compreendendo dois tanques, que,

juntos, ocuparam o volume de 7.000 L: No primeiro foram alocadas as unidades experimentais, e no segundo (menor), foram mantidas as microalgas.

Cada família foi disposta em um balde de 20 litros (UE) com fundo de malha de 200 μm , apoiado em uma estrutura de madeira. Em cada balde havia uma mangueira individual com fluxo contínuo de alimento. A alimentação nesta etapa também foi fornecida diariamente, usando concentrações das microalgas *Isocrysis galbana* e *Chaetoceros muelleri* variando de 10×10^4 a 16×10^4 células/mL, conforme o desenvolvimento das sementes.

O manejo nesta etapa foi realizado a cada dois dias e se configurou pelo esvaziamento de ambos os tanques com limpeza das telas de cada balde com água salgada. Após a limpeza, os tanques eram novamente preenchidos com água (salinidade de 35‰) e alimento.

Ao 20º dia de assentamento, a fim de diminuir o efeito de competição por alimento, as famílias com número de sementes excedente foram divididas em duas unidades experimentais, de modo que as sementes maiores foram separadas das menores. Uma das famílias foi descartada neste momento. Assim, seguiram somente 26 famílias até o final do assentamento.

Os juvenis foram mantidos neste sistema por 40 dias, tempo em que atingiram tamanho suficiente para que fossem levados à campo em lanternas berçário.

2.4 Coleta de Dados

Na larvicultura, foram realizadas duas amostragens, ao 9º e ao 21º dias, onde três amostras de 1 ml de cada família foram recolhidas e mantidas em formol, para posteriormente, estimar o número total de larvas em cada tanque e avaliar o crescimento das mesmas (Figura 6 e 7).

Durante a fase de assentamento também foram realizadas duas avaliações. Na primeira, que ocorreu ao 20º dia, fotos de cada família foram tiradas com câmera fotográfica digital, antes da separação de sementes (Figuras 8 e 9). Na segunda avaliação (40º dia), as sementes de cada família foram reunidas, compondo novamente uma única unidade experimental, e fotos também foram tiradas. Neste momento, a quantidade de indivíduos em cada família foi estimada, a partir de três amostras de 5 ml, aferindo-se o volume total ocupado por elas.

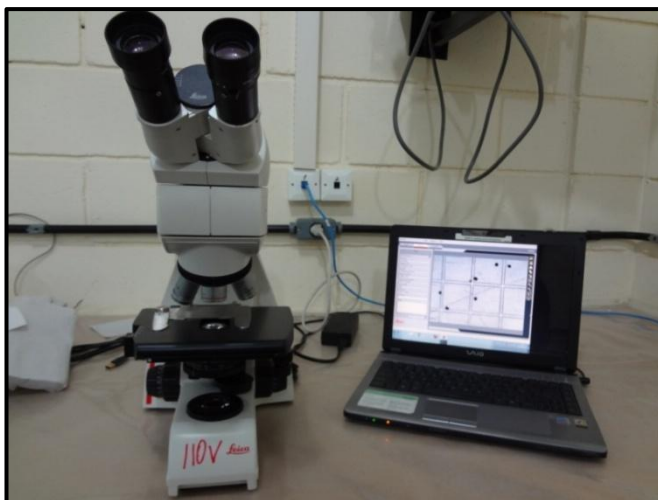


Figura 5 - Microscópio Leica.

Por meio da compatibilidade do microscópio Leica (ICC50) com o software LAS EZ 1.8 (Leica Application Suite) (Figura 5), foram obtidas imagens dos grupos de larvas, as quais foram avaliadas juntamente com as imagens dos grupos de sementes. Assim, de cada uma das quatro coletas, mediu-se aleatoriamente a altura de 30 animais para cada família. As unidades de medida utilizadas foram micrômetros (μm) para as larvas, e milímetros (mm) para sementes.

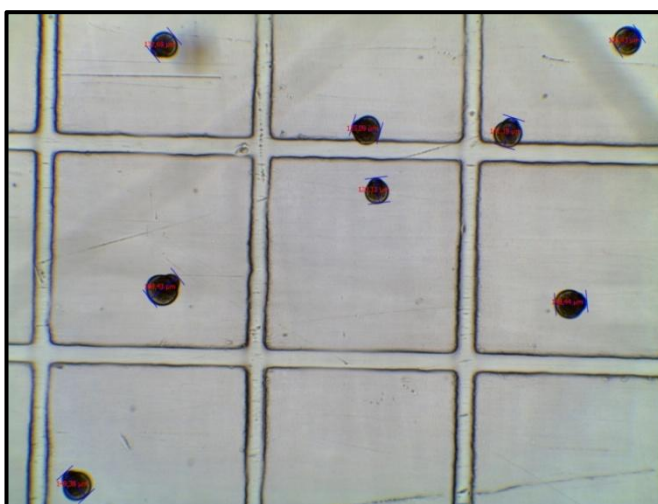


Figura 6 - Imagem microscópica de larvas já medidas, ao 9º dia

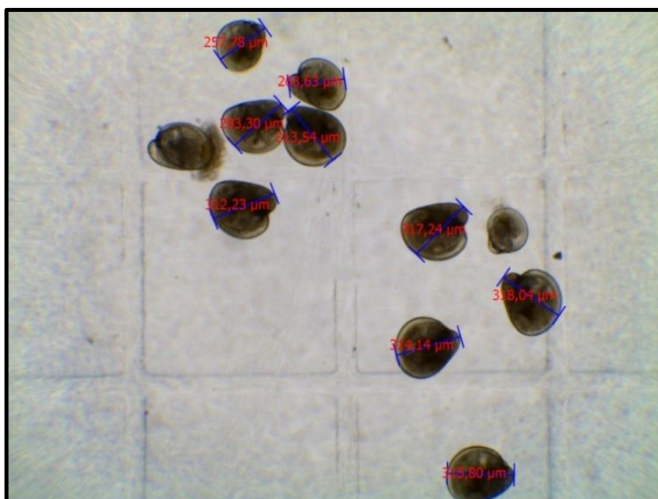


Figura 7 - Imagem microscópica de larvas já medidas, ao 21º dia.



Figura 8 - Sementes ao 41º dia.



Figura 9 - Sementes ao 61º dia.

2.5 Análises de Dados

Uma análise exploratória dos conjuntos de dados para cada característica foi realizada inicialmente, juntamente com uma estatística descritiva e avaliação dos efeitos fixos a serem incluídos nos modelos. Estas análises foram realizadas por meio do procedimento MIXED do programa SAS, 2005.

Para as análises genéticas, as medidas de altura das larvas e juvenis foram analisadas em modelo linear unicaracter. Os componentes de variância e a predição dos efeitos genéticos foram pesquisados usando técnicas Bayesianas, via algoritmo de *Gibbs*. Estas análises foram realizadas no programa MTGSAM (Van-Tassell e Van-Vleck, 1996; Van-Tassell *et al.*, 1998), sendo incluídos no modelo geral os efeitos genético aditivo (valores genéticos; a) e de ambiente comum materno (c):

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2c + \varepsilon$$

Em que y é o vetor das respostas observadas de altura de larvas ou sementes, X é a matriz de delineamento que corresponde ao vetor de parâmetros dos efeitos de ambiente identificáveis (β); Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência correspondentes aos vetores de parâmetros do efeito genético aditivo, a , e efeito de ambiente comum materno, c ; ε é o vetor de resíduos.

A distribuição conjunta de y , a , c e ε foi assumida como sendo normal multivariada, sendo como segue:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2C & R \\ GZ_1' & G & \phi & \phi \\ CZ_2' & \phi & C & \phi \\ R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que:

$$V = Z_1GZ_1' + Z_2CZ_2' + R,$$

G é a matriz de (co)variância dos valores genéticos,

$$G = A\sigma_a^2,$$

em que:

A é a matriz de parentesco;

σ_a^2 é o componente de variância genética aditiva;

C é a matriz de (co)variância do efeito de ambiente comum materno,

$$C = I_m \sigma_c^2,$$

em que:

I_m é a matriz identidade, de ordem igual ao número de grupos de irmãos inteiros;

σ_c^2 é o componente de variância que combina o efeito de ambiente comum da família de irmãos-completos com $\frac{1}{4}$ do efeito não aditivo;

R é a matriz de (co)variância residual,

sendo

$$R = I_n \sigma_e^2,$$

em que:

I_n é a matriz identidade, de ordem igual ao número de observações;

σ_e^2 é o componente de variância residual.

No presente estudo, os efeitos “fixos” correspondem aos efeitos de desova e de número de larvas ou sementes, de acordo com a característica em questão, os quais seguiram a distribuição *flat prior* (uniforme). Foi assumido que os efeitos aleatórios são normalmente distribuídos e que os componentes de variância possuem distribuição de Qui-quadrado Invertida (Van Tassell e Van Vleck, 1996). Mais detalhes sobre a densidade posterior conjunta, podem ser encontrados em Van Tassell *et al.* (1998) e Van Tassell e Van Vleck (1996).

O amostrador de Gibbs gerou 10.000 amostras de cada um dos componentes de (co)variância a partir de uma cadeia de 1.100.000 amostras, incluindo a queima inicial de 100.000. A estacionalidade (convergência) das cadeias geradas foi checada por meio do método de Heidelberger & Welch (1983) disponível na biblioteca CODA, incorporada no programa R 2.6.2 (R Development Core Team, 2007).

Foram obtidas amostras *a posteriori* da herdabilidade (h^2) para cada característica, calculadas a partir das amostras *a posteriori* dos componentes de variância, usando a seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2},$$

em que σ_a^2 e σ_c^2 , são as variâncias genético aditiva e de efeito de ambiente comum materno, respectivamente;

σ_e^2 corresponde à variância residual.

As estimativas de efeito de ambiente comum materno envolveram uma combinação do efeito de ambiente comum da progênie com $\frac{1}{4}$ do efeito não aditivo. O cálculo para a obtenção de suas amostras a partir das amostras dos componentes de variância *a posteriori* foi realizado por:

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

As amostras *a posteriori* foram analisadas utilizando o procedimento UNIVARIATE do SAS (SAS-Institute, 1999) para a obtenção das medidas de tendência central, com respectivos intervalos de credibilidade destes parâmetros.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Estatística descritiva

Estatísticas descritivas da biometria dos reprodutores, do quantitativo do número de gametas, larvas “D”, e animais ao 9º, 21º e 61º dias de vida, são apresentadas na Tabela 1. Assim como, para as medidas de altura nos quatro períodos, são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 1- Média, desvio padrão, mínimo e máximo, do peso e altura dos reprodutores, e do número de gametas, larvas “D”, larvas ao 9º e 21º dias, e sementes.

Variável	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
Peso reprodutores (g)	259,55	75,18	101,66	445,37
Altura reprodutores (mm)	12,56	1,33	9,95	15,80
Número gametas	17.996.970	14.778.838	600.000	500.00.000
Número larvas “D”	11.83.283	15.79.396	20.000	9.200.000
Número larvas 9º dia	214.124	320.674	1.250	1.680.000
Número larvas 21º dia	194.868	204.486	3.333	835.000
Número sementes 61º dia	8.444	9.403	96	43.992

Apesar da grande dispersão dos dados, houve em média, perda de mais de 70% dos animais nos primeiros nove dias de larvicultura, uma vez que, todos os tanques foram igualmente povoados com aproximadamente 750 mil larvas.

Nota-se também, que houve diferenças numéricas consideráveis entre famílias desde o começo da larvicultura, e inclusive, entre o número de ovócitos maternos. Essas diferenças mantiveram-se até o final do experimento, como pode-se observar nos valores de mínimo e máximo da última avaliação.

Tabela 2 – Número de famílias e de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo, da altura dos animais ao 9º, 21º, 41º e 61º dias.

Variável	Famílias	N	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
Altura larvas 9º dia (µm)	29	506	135,87	26,47	65,49	219,76
Altura larvas 21º dia (µm)	19	489	315,31	35,08	164,54	396,70
Altura sementes 41º dia (mm)	27	810	5,23	2,58	1,05	14,05
Altura sementes 61º dia (mm)	26	780	9,56	5,68	1,07	26,87

Foram contabilizadas, para a obtenção do número de famílias apresentado na Tabela 2, apenas aquelas onde havia ao menos um indivíduo no total das amostras. Considerando que não houve descarte durante o período de larvicultura, a diferença

entre o número real de famílias mantidas, e o número apresentado, deve-se à falta de representatividade de algumas amostras nesta etapa. Além disso, algumas famílias apresentaram número total de larvas inferior à 30, restringindo assim, o número de observações medidas (N). Deste modo, mesmo com o descarte feito na transferência dos animais para o assentamento, a quantidade de sementes avaliadas é consideravelmente maior que a quantidade de larvas.

É importante ressaltar também que, ao final dos 61 dias (larvicultura e assentamento), as ostras tinham em média 9,56 mm, tamanho bem superior ao necessário para a transferência para lanternas berçário (2 mm). Contudo, o assentamento não foi interrompido anteriormente, a fim de evitar seleção indesejada. Ainda assim, observou-se a presença de alguns poucos indivíduos com altura em torno de 1 mm ao final desta etapa.

A Tabela 3 apresenta correlações entre o número de gametas, de larvas “D”, de larvas ao 9° e 21° dias, e o número de sementes.

Tabela 3 - Correlação entre o número de gametas, de larvas “D”, de larvas ao 9° e 21° dias, e número de sementes.

	Gametas	Larvas D	Larvas 9	Larvas 21	Sementes 61
Gametas	1				
Larvas D	0,08801 0,6262	1			
Larvas 9	0,23792 0,1824	0,06364 0,7249	1		
Larvas 21	0,33084 0,06	0,05351 0,7674	0,87296 <.0001	1	
Sementes 61	0,1728 0,3362	0,09352 0,6047	0,04719 0,7943	0,21987 0,2189	1

Não há qualquer relação entre o número de larvas e sementes com o número de larvas “D”, afinal, o número de larvas no povoamento foi padronizado. Porém, a correlação entre o número de larvas ao 9° e ao 21° dias, foi alta, sugerindo que, a partir de uma simples avaliação ao 9° dia larvicultura, é possível estimar o rendimento final desta etapa.

3.2 Parâmetros genéticos

Como não foi possível realizar a identificação dos indivíduos, em cada avaliação, os animais medidos não foram os mesmos. Por esse motivo, foi realizada análise de um conjunto de dados para cada característica. As Tabelas 4 e 5 apresentam valores para componentes de variância, herdabilidade e efeitos de ambiente comum materno, em todas as idades.

Tabela 4 - Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância de efeito de ambiente comum materno (σ_c^2), variância residual (σ_e^2), herdabilidades (h^2) e efeitos de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para altura de larvas ao 9º e ao 21º dias.

Característica / Parâmetro	Média	Mediana	Moda*	DP	IC	
					2,5%	97,5%
Altura larvas 9º dia						
σ_a^2	504,63	503,46	536,34	134,78	284,47	725,65
σ_c^2	8,81	4,29	1,99	16,18	1,30	28,85
σ_e^2	178,75	176,61	176,63	69,18	69,96	295,76
h^2	0,72	0,73	0,80	0,13	0,49	0,90
c^2	0,01	0,01	0,00	0,02	0,00	0,04
Altura larvas 21º dia						
σ_a^2	518,34	398,93	125,66	436,85	87,24	1674,99
σ_c^2	9,09	4,33	2,69	20,10	1,09	50,03
σ_e^2	8800,77	8789,73	8275,60	647,72	7546,77	10087,26
h^2	0,05	0,04	0,02	0,04	0,01	0,17
c^2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01

* Kernel Density Estimation; DP: Desvio Padrão; IC: Intervalo de Credibilidade.

As estimativas de herdabilidade para altura das larvas ao 21º dia ($h^2 = 0,05$ e IC 0,01 – 0,17) foram baixas e bastante inferiores às estimativas obtidas para altura das larvas ao 9º dia ($h^2 = 0,72$ e IC 0,49 – 0,90). O extremismo destes valores pode ser atribuído à estrutura de dados, que não foi adequada para separar os efeitos de ambiente dos efeitos genéticos, pois não houve repetições de famílias de meio irmãos. A alta variância residual encontrada e os valores próximos de zero para os efeitos de ambiente comum materno confirmam esta hipótese.

TORO & PAREDES (1996), obtiveram, em diferentes níveis de alimentação, para a altura de larvas de *Mytilus chilensis*, valores de herdabilidade entre 0,2 e 0,9.

Importâncias semelhantes às encontradas por STRÖMGREN & NIELSEN (1989) para larvas de *Mytilus edulis* aos 14 e 28 dias (h^2 = Entre 0,5 e 0,9) e compatíveis com as estimativas altas apresentadas para altura de larvas ao 9º dia (Tabela 4). Outros trabalhos reportam, para crescimento larval de ostras *Crassostrea virginica*, herdabilidades entre 0,20 e 0,55 (NEWKIRK *et al.*, 1977; LOSEE, 1978).

Tabela 5 - Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância de efeito de ambiente comum materno (σ_c^2), variância residual (σ_e^2), herdabilidades (h^2) e efeitos de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para altura de sementes no 41º e 61º dias.

Característica / Parâmetro	Média	Mediana	Moda*	DP	IC	
					2,5%	97,5%
Altura sementes ao 41º dia						
σ_a^2	2,76	2,57	2,1	1,11	1,34	4,84
σ_c^2	0,05	0,02	0,01	0,12	0,01	0,20
σ_e^2	4,01	4,08	4,18	0,63	2,90	4,90
h^2	0,40	0,38	0,33	0,13	0,22	0,62
c^2	0,01	0,00	0,00	0,02	0,00	0,03
Altura sementes ao 61º dia						
σ_a^2	19,09	19,91	3,77	10,48	2,26	36,98
σ_c^2	3,41	1,7	0,17	3,73	0,14	12,59
σ_e^2	12,32	11,93	6,15	5,29	3,38	21,31
h^2	0,53	0,60	0,50	0,26	0,07	0,90
c^2	0,10	0,05	0,02	0,10	0,00	0,34

* Kernel Density Estimation; DP: Desvio Padrão; IC: Intervalo de Credibilidade.

Para crescimento de juvenis de *C. gigas* em três locais diferentes, DÉGREMONT *et al.*(2007) reportam valores baixos de herdabilidade (0,07 – 0,15). STRÖMGREN & NIELSEN (1989) indicam, para altura de juvenis de *Mytilus edulis*, estimativas que vão de 0,5 a 1,2 dependendo da idade do indivíduo. A superestimação de alguns valores é apontada pelos autores como decorrência do limitado número de famílias. Ainda assim, a herdabilidade obtida aos 4,5 meses de idade é de 0,6, valor pouco superior aos apresentados para altura de sementes ao 41º dia (h^2 = 0,40 e IC 0,22 – 0,62) e ao 61º dia (h^2 = 0,53 e IC 0,07 – 0,90) no presente trabalho (Tabela 5).

Para algumas características, os intervalos de credibilidade incluíram o valor zero e, por isso, não podem ser considerados significativos. Para as estimativas de

variância genética aditiva os intervalos não incluíram o valor zero, sugerindo que há possibilidade de melhora da característica. Nota-se também, intervalos mais amplos para altura final das sementes e para alguns valores de larvicultura. Este resultado indica uma maior dispersão dos valores do parâmetro. A característica de altura ao 41º dia exibe intervalos menores, de forma que, as estimativas são mais precisas.

Verifica-se também que as estimativas de herdabilidade para a altura de sementes durante e ao final do assentamento, variam entre moderadas e altas, o que indica que o valor fenotípico das ostras nesta etapa é um bom preditor de seus potenciais genéticos, e a possibilidade de obtenção de resposta à seleção na população estudada.

O ganho genético para altura de larvas e juvenis significaria diminuir períodos de larvicultura e assentamento, e aumentar a rotatividade de produção do Laboratório, de modo que, poderiam ser entregues aos reprodutores, mais ostras à cada safra.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A fim de diminuir fontes de erro, aumentar a acurácia das medidas e a precisão das estimativas de parâmetros genéticos, novos trabalhos devem ser feitos utilizando repetições e maior número de famílias.

Métodos de marcação de ostras tanto para indivíduos adultos, como para juvenis, também precisam ser desenvolvidos. A marcação dos animais possibilitaria medições do mesmo indivíduo ao longo do tempo, favorecendo a estrutura de dados, o controle de reprodutores, e estudos posteriores referentes à repetibilidade de características.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Boletim estatístico da Pesca e Aquicultura – Brasil 2010**, Ministério da Pesca e Aquicultura, Brasília, Fevereiro, 2012. Disponível em: <http://www.mpa.gov.br/images/Docs/Informacoes_e_Estatisticas/Boletim%20Estat%20C3%ADstico%20MPA%202010.pdf>. Acesso em: 30 maio 2012.
- BOUDRY, *et al.* Individual growth variation and its relationship with survival in juvenile Pacific oysters, *Crassostrea gigas* (Thunberg). **Aquaculture International**, v. 11, p. 429–448, 2003.
- DÉGREMONT, L. *et al.* Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). I. Estimation of genetic parameters for survival and growth. **Aquaculture**, v. 262, p. 41-53, 2007.
- DÉGREMONT, L.; BÉDIER, E.; BOUDRY, P. Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). II. Response to selection for survival and its influence on growth and yield. **Aquaculture**, v. 299, p. 21-29, 2010.
- EVANS, S.; LANGDON, C. Effects of genotypexenvironment interactions on the selection of broadly adapted Pacific oysters (*Crassostrea gigas*). **Aquaculture**, v. 261, p. 522-534, 2006.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Primeira edição, Viçosa, Imprensa Universitária UFV, 1987.
- GALTSOFF, P. S. The American oyster *Crassostrea virginica* Gmelin. Fisheries Bulletin 64. USA Fish and Wildlife Services, Government Printing Office, Washington, DC, 1964.
- HALEY L. E; NEWKIRK, G. F. Selecting oysters for faster growth. In: Proceedings of the Eight Annual Meeting, **World Mariculture Society**, v. 8, p. 557–566, 1977.
- KITCHAROEN, N. *et al.* Heritability for growth traits in giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii* (de Mann 1879) based on best linear unbiased prediction methodology. **Aquaculture research**, v. 43, p. 19-25, 2012.
- LOSEE, E. Influence of heredity on larval and spat growth in *Crassostrea virginica*. **Journal of the World Aquaculture Society**, v. 9, p. 101-107, 1978.
- NEWKIRK, G. F. *et al.* Genetics of larvae and spat growth rate in the oyster *Crassostrea virginica*. **Marine Biology**, v. 41, n° 1, p. 49-52, 1977.
- POLI, C. G. Cultivo de ostras do pacífico (*Crassostrea gigas*, 1852). In: Poli, Carlos Rogério *et al.* **Aquicultura: experiências brasileiras**. Florianópolis: multiref, 2004.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2007. R: **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. <http://www.R-project.org>.

SANTOS, A. I. **Interação genótipo-ambiente e estimativa de parâmetros genéticos em tilápias**. Tese de Doutorado, UEM, Maringá – PR, 2009.

SAS INSTITUTE INC., 2005. **SAS/STAT® user's guide, version 9.1.3**. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

STRÖMGREN, T; NIELSEN, M. V. Heritability of growth in larvae and juveniles of *Mytilus edulis*. **Aquaculture**, v. 80, p. 1-6, 1989.

TORO, J. E.; PAREDES, L. L. Heritability estimates of larval shell length in the Chilean blue mussel *Mytilus chilensis*, under different food densities. **Aquatic Living Resources**, v. 9, n° 4, p. 347-350, 1996.

VAN TASSELL, C. P., VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E., 1998. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **Journal of Animal Science**, 76: 2048-2061.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D., 1996. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, 74: 2586-2597.

WANG, Q. *et al.* Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth in *Crassostrea gigas* larvae. **Journal of Fishery Sciences of China**, 2009.

ZOUROS *et al.* Growth rate in oysters: an overdominant phenotype and its possible explanations. **Evolution**, v. 34, p. 856–867, 1980.